

Fig. 1A

106110 11599460

G	S	V	A	C	P	P	P	A	Y	C	N	T	P	P	P	P	Y	E	166	
GGG	AGT	GTG	GCC	TGC	CCG	CCC	CCT	CCA	GCC	TAC	TGC	AAC	ACG	CCT	CCG	CCC	CCG	TAC	GAA	632
Q	V	V	K	A	K	*													173	
CAG	GTA	GTG	AAG	GCC	AAG	TAG													653	
TGGG	TGCCCC	ACGT	GCAAG	GAGG	GAGAG	CAGG	AGGG	GCCTTT	CCCT	GGCCTTTT	CTGT	CTCT	TCGTT	GATGTT	CAC	TTC	CAG	732		
GAAC	GGTCT	CGTGGG	CTGT	AAGG	GCAGTT	CCCT	CTGT	ATCCT	CAC	GAAG	CAC	AGCT	CTCT	TTT	CAGG	CTTT	CCAT	GG	811	
AGT	ACAT	TATAT	GAAT	CAC	ACTTT	GTCT	CTCT	CTGTT	CTGTT	CTGAC	GAGT	CTGT	GCT	CTC	AC	ATGGT	AGT	890		
GGT	GAC	AGT	CCCC	GAGG	CTGAC	TCTT	ACG	TGGCT	GAC	CAGAT	CTAC	GAG	GAG	AGCT	GAG	AGG	AAG	GC	969	
TGCT	GAGG	TG	CAG	TGG	CACT	AG	GGG	CCAGG	CCG	AGC	ATCCC	AGG	CAAG	CA	TCC	TTT	CTG	CCG	GGT	1048
AAG	CCCAT	CGCGG	CGCT	CAG	CCGAT	GAAG	CAG	CGCC	AGT	GAG	CTG	AGCC	CAG	AGG	CTC	TG	CC	AGG	AT	1127
CTT	CTG	TAC	CTT	CTT	CC	AG	AGCT	GT	GG	AG	ACAT	TC	GAG	AG	AG	CA	AG	CC	CT	1206
CTGT	T	CAT	T	CCT	TA	AG	AT	AG	CT	T	CT	CT	G	C	CG	CC	AG	G	AT	1285
CTAGA	AT	CAGG	CT	TG	CC	TG	AGG	CC	TG	AC	TG	AT	CT	GC	AC	TA	AG	CA	AA	1364
CTT	CTG	CCCC	CA	AC	TG	AG	CA	TTG	CA	T	TTG	TG	AG	CT	TT	GG	T	CT	GT	1443
GTG	TG	TTT	TAT	GGA	GT	CA	TG	AG	CG	CT	CT	GG	CC	TT	GA	AT	CAG	ACT	GG	1522
CTC	TC	CAG	GG	CA	TT	CT	CAGG	CC	GGG	CT	CT	CC	T	CAG	CAG	CT	CC	AG	T	1601
AC	GGG	CA	CT	CT	GG	TG	GA	AGT	CA	T	GG	AG	T	CA	T	GG	AG	T	CA	1680
GT	TGG	CT	TA	AG	CGG	TG	TG	CT	GG	CT	CC	AG	GAG	AG	AG	CT	GG	CG	CT	1759
TG	CA	CT	AC	CA	TT	GT	CA	TA	AT	TAG	AA	TA	AG	AG	AG	AG	AG	AG	AG	1838
CCCC	AG	AT	CT	CAC	AG	TAG	TT	CT	CT	AG	TAG	TT	G	AG	CG	CT	AG	CT	AG	1917
TGT	GT	GA	CG	CT	G	AC	TG	CT	GT	CT	AG	AG	CT	AT	G	AG	CT	AG	CT	1996
CAC	GGG	AA	T	G	AG	GT	GG	GT	CT	TA	TTT	TA	AT	GA	CT	TA	AT	GA	CT	2075
AG	CA	T	CA	G	A	C	A	T	C	T	CA	T	CT	AG	G	A	C	A	T	2154

Fig. 1B

106110 11559260

AACCTCCTGGGAAATTTGTGGGAGACACTTGGGAACAAAACAGACACCCCTGGGAATGCAGTTGCAAGCACAGATGCTG 2233
 CCACCACTGCTCTGACCAACCTGGTGAAGTCTGACTGCCAGCTGGTACCTCCCATGCTGCAGGCCCTCCATCTAA 2312
 TGAGACAACAAGCACAAATGTTCACTGTTTACAACCAAGACAACCTGCGTGGTCCAAACACTCCCTTCCCTCCAGGTCA 2391
 TTTGTTTGGCATTTTAAATGCTTTATTTTGTAAATGAAAAGCACACTAAGCTGCCCTGGATCGGTGCGAGCTGA 2470
 ATAGGACCCAAAAGTCCGTGACTAAATTCGTTTGTCTTTTGTATAGCAAAATATGTTAAAGAGACAGTGCATGGCTAGG 2549
 GCTCAACAATTTGTATCCATGTTGTGTGAGACAGATTTGTTTCCCTTGAACCTGGTTAGAAATGTGCTACTGT 2628
 GAACGCTGATCTGCATATGAAGTCCACTTTGGTGACATTTCTGGCCATTTCTGTGTTCCATTTGTGTGGATGGTGGG 2707
 TTGTGCCACCTTCTGGAGTGAGACAGCTCCTGGTGTGTAGAAATCCCGGAGCGTCCGTGGTTCAGAGTAAACTTGAAG 2786
 CAGATCTGTGCTATGCTTTCTCTGCAACAATGGCTCGTTTCTCTTTTGTCTCTTTTGTAGGATCCTGTTTCTCT 2865
 ATGTGTCAAAATAAAAATAAATTTGGCAAAAAAATTTGGCAAAAAAATTTGGCAAAAAAATTTGGCAAAAAAATTTGGCA 2944
 AAAAAAAGGGCGGCGCGC 2964

Fig. 1C

GTGACCCACGGTCCGGCCGGCGGTCCTTCTGCCGGGCTTCAGCTCGTATCCCGGAGTCCACCCGCCGTCGCCGGGT 79
 CGGACTGGCCCTGAGCTGGCCGTACAGCCCGGCTTCGGACGGTCTCGCTGGAGCC ATG GGC CGC CGG CTC 151
 G R V A A L L L L G L L V E C T E A K K H 25
 GGC AGG GTG GCG GCG CTG CTC CTG CTA GTG GAG TGC ACT GAG GCC AAA AAA CAT 211

Fig. 1D

C W Y F E G L Y P T Y Y I C R S Y E D C 45
 TGC TGG TAT TTT GAA GGA CTC TAT CCC ACA TAC TAT ATA TGC CGT TCC TAT GAA GAC TGC 271

 C G S R C C V R A L S I Q R L W Y F W F 65
 TGT GGC TCC AGG TGC TGT GTG AGG GCC CTT TCC ATA CAG AGG CTG TGG TAT TTT TGG TTC 331

 L L M M G V L F C C G A G F F I R R R M 85
 CTG CTG ATG ATG GGT GTG CTG TTC TGC TGT GGT GCC GGT TTC TTC ATT CGC CGG CGC ATG 391

 Y P P P L I E E P T F N V S Y T R Q P P 105
 TAT CCG CCA CCA CTC ATT GAG GAG CCC ACA TTC AAT GTG TCC TAT ACC AGG CAG CCA CCA 451

 N P A P G A Q Q M G P P Y Y T D P G G P 125
 AAT CCT GCT CCA GGA GCA CAG CAA ATG GGA CCG CCA TAT TAC ACC GAC CCT GGA GGA CCC 511

 G M N P V G N T M A M A F Q V Q P N S P 145
 GGG ATG AAT CCT GTT GGC AAT ACC ATG GCT ATG GCT TTC CAG GTC CAG CCC AAT TCA CCT 571

 H G G T T Y P P P S Y C N T P P P Y 165
 CAC GGA GGC ACA ACT TAC CCA CCC CCT TCC TAC TGC AAC ACG CCT CCA CCC CCC TAT 631

 E Q V V K D K *
 GAA CAG GTG GTG AAG GAC AAG TAG

 CAAGATGCTACATCAAGGCAAGAGGATGGACAGGCCCTTTGTTTACCTTCCATCCTCACCAGTACTTGTGTATAG 734

Fig. 1E

GGTGGTCCAAGGGAACCTTGGATATCTCAAGCAAGCCGAGTCTCTTTCAAGTCTTTTGTGGAGGACATTTGAATC 813
CACACTGTCTCCCTGTGTGCTTCTGTCTGATCTGCTCTCTGAGACAGTGTGGCACACAGTCCCTGAGGGTT 892
GATATCTAGGGTCCAGGTGATGCTCGGAGAGAGGCTAAGGGGAAAGGAAGGATAGCTGTGTGTAGGGGG 971
CAGATAAAGTGGTCAGGCTGAGATAAGACTCATGATGCGAGTAGTTGCGAGTGAACCTTCTGAAGACACATATCCACCA 1050
TCCAGCCCATCTCTTAATAGAACTGTGGGGCTGTGTTGTGATGCTCTTTGGTCTCCACTCAGACTATTTGAATAATAG 1129
GCTTTCCCTCGAGGAATPAGGAAGACCCAAATACATATTTGCTCCACTTAAATAATGAGGTCAGAAACAGGCCCTCAG 1208
TTTTTGGACATCTATAGTTTAAATAAAGGCCAATAGAGAGGGGAAATCTTTAAGTTAGGGGAAATCTCTAAATGGACATTT 1287
GGCCTTTTATGATCATCTCTGGCTTTTCTTTTGTAGTCATGTATTAAGTGAAGGTGTCTTTGAGATCAGATGGGGAG 1366
TAGTGAACCTTGCGGGGGTGGGTGTCTTACTCAGAGGGCTCCAAACCCCTTTCTTATAGGTACTTCTGCTGATCGGTT 1445
TTTTTGGGCACTATAGACTGAGGGGCACTTAGCCGGGTGATTACATTTGACCTTGGAGAGGAAGAGCAGCCAAAG 1524
AAACTCAGCAAGCAAGCACCATGCTGATGATGAGTACCTTGTATGATGCCAACAGATGTGCTGGCTCA 1603
AAGAGAGGGGACGTTGTGGATAGAGCCGTGAAACCTTACTTAGTGTACAGACTGACATAATCAAAAGTAGAAGAAG 1682
TGTAGTTAGAGTCCATTTCCAGGTGAGATCAGAGCTATCATATAGATTTACAAGTAGTGCTGGAGTTACAGTA 1761
TGGAGTTCTTTCCCTTGGTAGTTAGTCACGTTGATGTGATTTAAACCCAGTTGAGACCTTGTGTACTAAGACAA 1840
GGGAAGTATPAGCTAAGATCTAGATATTTATATGATGTTAGTGGGAGTGGGCTCGAAGGAAGGGGCTGACATTTG 1919
TAAATGAGAAATCAGAGCCATTTGATTAACCTTACTATGTTGGATGAGGCATCCAAAGTGTCTCTTCAGTGGACATTT 1998
GAAATCGACATAGCTGTGGCTTAGTTTAAAGCATGAAAGCATAGGACTGGTAGACAGTTTCAATAGAGGTAGAGTTGAG 2077
GGGAAGGAATGGAATACCTTTAAGACAGTTTGTGATGCAATGCTGCCACCCATTTGAGACCCCTTGTGTCTCTGGC 2156
TTTCCCTGTCACTGGATCCAGTACCCCTCCATGCTTGGTCTCTTTTACATAAGACAAACAAAGACAAATGCTGCTGTT 2314
TACAAATCAAGACGACTACATGCTCCAAACATTTCTCTCTTCTATCACTTGTGGCTTTTAACTTCCATTTCCCTCGTT 2393
CCCTTTTAAATATAGCAATCAGAGCTGCCCTGGGATGCAATGCAAGAACCGCTGATCAAGGCATCTAGTGTC 2472
CATGACTAAATCTTATCTTTGATAGCAATCTTTAAGAACTGAACATGCTAAGGCTCAGCAATTTTATATCT 2551
CPAATGTCTGTGAAGGTAAATTTTGTGTGCCATTGAGCCCAATGGAATCTCTCTGACCTCAACATGACATGCCT 2630
TGTGAAATGCACTCTGGGTAATATGTCACGATCTCTTTTCTTATGTTGGTAGTAAGGCTCACCCTCTCCAG 2709

Fig. 1F

AGCTCTACTTCTGTGTGCTGAGTCCGTAGAGCGGGGCTTGGGCACAGACATGAGGAGACTGTGTCATGCTCTTTC 2788
TTTGGCAACACATTGGCTCATATTCTTGTTCTCTTTGATAGACTCTCTTTCCCTATGTATTTAAAAAATAATAAAGTG 2867
AATTTAGTCAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAAGGGCGGCGCCG 2915

Fig. 1G

	10	20	30	40	50	60	70
Hum. MRRQPAKVAALLGLLLECTEAKKHCWYFEGLYPTYYICRSYEDCGSRCCVRALS IQRLWYFWFLMMG							
:							
Mur. MGRRLGRVAALLGLLVECTEAKKHCWYFEGLYPTYYICRSYEDCGSRCCVRALS IQRLWYFWFLMMG							
:							
Hum. VLFCCGAGFIRRRMYPPLIEEPAFNVSYTRQPNPAGAAQGPFPYYTDGGPGMNPVGNMAMAFQV							
:							
Mur. VLFCCGAGFIRRRMYPPLIEEPTFNVSYTRQPNPAGAAQGPFPYYTDGGPGMNPVGNMAMAFQV							
:							
Hum. PPNSPQGSVACPPPPPAYCNTPPPPYEQVVRKAK							
:							
Mur. QPNSPHGGTTPPPPSYCNTPPPPYEQVVRDK							
:							

Fig. 1H

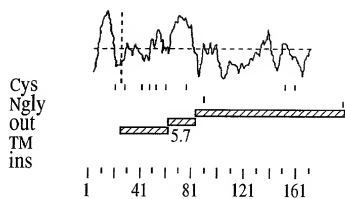


Fig. 1I

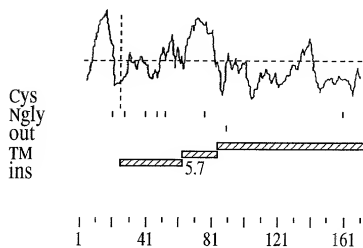


Fig. 1J

GTGACCCACGCGTCCGGAATGTCGTCTTCAGATTAAAGAAAACCTTTACTGAATCAGCTGAGTGTAAATAA	79
CGAATTTCCTTTTCTTGCCAAATCTGATCTGAACAGAAAAATCCAAGAACAGGGAT	152
ATG TGT GGA TTA CAG TTT	6
S L P C L R L F L V V T C Y L L L L L L H	26
TCT CTG CCT TGC CTA CGA CTG TTT CTG GTT GTT ACC TGT TAT CTT TTA TTA CTC CAC	212
K E I L G C S S V C Q L C T G R Q I N C	46
AAA GAA ATA CTT GGA TGT TCG TCT GTT TGT CAG CTC TGC ACT GGG AGA CAA ATT AAC TGC	272
R N L G L S S I P K N F P E S T V F L Y	66
CGT AAC TTA GGC CTT TCG AGT ATT CCT AAG AAT TTT CCT GAA AGT ACA GTT TTT CTG TAT	332
L T G N N I S Y I N E S E L T G L H S L	86
CTG ACT GGG AAT AAT ATA TCT TAT TAT ATA AAT GAA AGT GAA TTA ACA GGA CTT CAT TCT CTT	392
V A L Y L D N S N I L Y V Y P K A F V Q	106
GTA GCA TTG TAT TTG GAT AAT TCT AAC ATT CTG TAT GTA TAT CCA AAA GCC TTT GTT CAA	452
L R H L Y F L F L N N N F I K R L D P G	126
TTG AGG CAT CTA TAT TTT CTA AAT AAT AAT TTC ATC AAA CGC TTA GAT CCT GGA	512

Fig. 2A

106TTGTTTSS360

I	F	K	G	L	L	N	L	R	N	L	Y	L	Q	Y	N	Q	V	S	F	146
ATA	TTT	AAG	GGA	CTT	TTA	AAT	CTT	CGT	AAT	TTA	TAT	TTA	CAG	TAT	AAT	CAG	GTA	TCT	TTT	572
V	P	R	G	V	F	N	D	L	V	S	V	Q	Y	L	N	L	Q	R	N	166
GTT	CCG	AGA	GGA	GTA	TTT	AAT	GAT	CTA	GTT	TCA	GTT	CAG	TAC	TTA	AAT	CTA	CAA	AGG	AAT	632
R	L	T	V	L	G	S	G	T	F	V	G	M	V	A	L	R	I	L	D	186
CGC	CTC	ACT	GTC	CTT	GGG	AGT	GGT	ACC	TTT	GTT	GGT	ATG	GTT	GCT	CTT	CGG	ATA	CTT	GAT	692
L	S	N	N	I	L	R	I	S	E	S	G	F	Q	H	L	E	N	L		206
TTA	TCA	AAC	AAT	AAC	ATT	TTG	AGG	ATA	TCA	GAA	TCA	GGC	TTT	CAA	CAT	CTT	GAA	AAC	CTT	752
A	C	L	Y	L	G	S	N	N	L	T	K	V	P	S	N	A	F	E	V	226
GCT	TGT	TTG	TAT	TTA	GGA	AGT	AAT	AAT	TTA	ACA	AAA	GTA	CCA	TCA	AAT	GCC	TTT	GAA	GTA	812
L	K	S	L	R	R	L	S	L	S	H	N	P	I	E	A	I	Q	P	F	246
CTT	AAA	AGT	CTT	AGA	AGA	CTT	TCT	TTG	TCT	CAT	AAT	CCT	ATT	GAA	GCA	ATA	CAG	CCC	TTT	872
A	F	K	G	L	A	N	L	E	Y	L	L	L	K	N	S	R	I	R	N	266
GCA	TTT	AAA	GGA	CTT	GCC	AAT	CTG	GAA	TAC	CTC	CTC	CTG	AAA	AAT	TCA	AGA	ATT	AGG	AAT	932
V	T	R	D	G	F	S	G	I	N	N	L	K	H	L	I	L	S	H	N	286
GTT	ACT	AGG	GAT	GGG	TTT	AGT	GGA	ATT	AAT	AAT	CTT	AAA	CAT	TTG	ATC	TTA	AGT	CAT	AAT	992

Fig. 2B

10011011333460

D L E N L N S D T F S L L K N L I Y L K 306
 GAT TTA GAG AAT TTA AAT TCT GAC ACA TTC AGT TTG TTA AAG AAT TTA ATT TAC CTT AAG 1052

 L D R N R I I S I D N D T F E N M G A S 326
 TTA GAT AGA AAC AGA ATA ATT AGC ATT GAT AAT GAT ACA TTT GAA AAT ATG GGA GCA TCT 1112

 L K I L N L S F N N L T A L H P R V L K 346
 TTG AAG ATC CTT AAT CTG TCA TTT AAT AAT CTT ACA GCC TTG CAT CCA AGG GTC CTT AAG 1172

 P L S S L I H L Q A N S N P W E C N C K 366
 CCG TTG TCT TCA TTG ATT CAT CTT CAG GCA AAT TCT AAT CCT TGG GAA TGT AAC TGC AAA 1232

 L L G L R D W L A S S A I T L N I Y C Q 386
 CTT TTG GGC CTT CGA GAC TGG CTA GCA TCT TCA GCC ATT ACT CTA AAC ATC TAT TGT CAG 1292

 N P P S M R G R A L R Y I N I T N C V T 406
 AAT CCC CCA TCC ATG CGT GGC AGA GCA TTA CGT TAT ATT AAC ATT ACA AAT TGT GTT ACA 1352

 S S I N V S R A W A V V K S P H I H K 426
 TCT TCA ATA AAT GTA TCC AGA GCT TGG GCT GTT GTA AAA TCT CCT CAT ATT CAT CAC AAG 1412

 T T A L M M A W H K V T T N G S P L E N 446
 ACT ACT GGG CTA ATG ATG GCC TGG CAT AAA GTA ACC ACA AAT GGC AGT CCT CTG GAA AAT 1472

Fig. 2C

105TTGTTT199464

T E T E N I T F W E R I P T S P A G R F 466
 ACT GAG ACT GAG AAC ATT ACT TTC TGG GAA CCA ATT CCT ACT TCA CCT GCT GGT AGA TTT 1532
 F Q E N A F G N P L E T T A V L P V Q I 486
 TTT CAA GAG AAT GCC TTT GGT AAT CCA TTA GAG ACT ACA GCA GTG TTA CCT GTG CAA ATA 1592
 Q L T T S V T L N L E K N S A L P N D A 506
 CAA CTT ACT ACT TCT GTT ACC TTG AAC TTG GAA AAA AAC AGT GCT CTA CCG AAT GAT GCT 1652
 A S M S G K T S L I C T Q E V E K L N E 526
 GCT TCA ATG TCA GGG AAA ACA TCT CTA ATT TGT ACA CAA GAA GTT GAG AAG TTG AAT GAG 1712
 A F D I L L A F F I L A C V L I I F L I 546
 GCT TTT GAC ATT TTG CTA GCT TTT TTC ATC TTA GCT TGT GTT TTA ATC ATT TTT TTG ATC 1772
 Y K V V Q F K Q K L K A S E N S R E N R 566
 TAC AAA GTT GTT CAG TTT AAA CAA AAA CTA AAG GCA TCA GAA AAC TCA AGG GAA AAT AGA 1832
 L E Y Y S F Y Q S A R Y N V T A S I C N 586
 CTT GAA TAC TAC AGC TTT TAT CAG TCA GCA AGG TAT AAT GTA ACT GCC TCA ATT TGT AAC 1892
 T S P N S L E S P G L E Q I R L H K Q I 606
 ACT TCC CCA AAT TCT CTA GAA AGT CCT GGC TTG GAG CAG ATT CGA CTT CAT AAA CAA ATT 1952

Fig. 2D

TGGTGTGTTGGG

V	P	E	N	E	A	Q	V	I	L	F	E	H	S	A	L	*			623
GTT	CCT	GAA	AAT	GAG	GCA	CAG	GTC	ATT	CTT	TTT	GAA	CAT	TCT	GCT	TTA	TAA		2003	
CTCAACTAAATATTGTC	TATAAGAACTTCAGTGC	CATGGACATGATTAAACTGAAACCTCCTTATATAATTATATAC																2082	
TTTACTTGGAATATAATGAATTATATAGGTTAGCATTATTAATAATATGTTTTTAATAAAAAA	AAAAAAGG																	2161	
GCGGCCGC																		2169	

Fig. 2E

100410 1395260

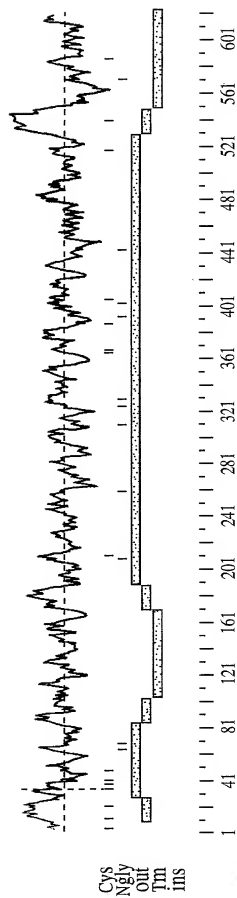


FIG. 2F

106110:1559260

```

10      10      20      30      40      50      60
Slit MRGVGWQLSLSLGIVLA-----IINKVAPQACPAQCS-CSGSTVDPCHGLAIRSVPRNIPRNTERLDLNG
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 MCGLQFSLPCLRLFLVVTCYLLLLHLK-EILGSSVCQLCTGRQINCRNLGLSSIPKNFPESTVFLITG
10      20      30      40      50      60

70      80      90      100     110     120     130
Slit NNITRITKDFAGLRHLRVLQLMENKISTIERGAFQDLKELERLRLNRNHLQLFPPELLFLGTAKLYRLDL
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 NNISYINESELTGHLSLVALYLDNSNILYVYPKAFQLR-----HLY--FLFLNNFIKRLD-
70      80      90      100     110     120

140     150     160     170     180     190     200
Slit SENQIQAIIPKAFRGAVDIKNLQLDYNQIASCIEDGAFAIRDLDEVLTLNNNITRLSVASFNMHPKURTF
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----PGI-----FKGLLNRLNLYQYNQVSFVPRGVFNDLVSVQYLNLQRNRLTVLGSUTF-----
130     140     150     160     170

210     220     230     240     250     260     270
Slit RLHSNNLYCDCHLAWLSDWLRQRPRVGLYTQCMGFSLRHGNVAEVQKREFVCVSGHQSFMAPSCSVLHCP
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----VGM-----VA-----
180

```

Fig. 2G

T06170.TS99.60

```

280          290          300          310          320          330          340
Slit AACCSNNIVDCRGKGLTEIPTNLPEITTEIRLEQNTIKVIPPGAFSPYKKLRRIIDLNNQISELAPDAF
325 -----LRILDLNNNI-----
      190

350          360          370          380          390          400          410
Slit QGLRSLNSLVLYGNKITELPKSLFEGLSLQLLLLNANKINCLRVDAFQDLHNINLSLYDNKLQTTAKG
      ::
      ::
      ::
325 --LR-----ISE-----SGQHLENLACL-----
      200

420          430          440          450          460          470          480
Slit TFSPLRAIQTMHLAQNPFICDCHLKWLA DYLHTNPDIETSGARCTSPRLANKRIGQIKSKKFRCSAKEQY
      ::
      ::
      ::
325 -----YLGSN-----
      210

490          500          510          520          530          540          550
Slit FIPGTEDYRSKLSGDCFADLACPEKCRCEGTTVDCSNQKLNKIPHIPOQYTAELRNNNNEFTVLEATGIF
      ::
      ::
      ::
325 -----NLTKVP-----SNAFEVLKS-----
      220

```

Fig. 2H

100110-1553/60

```

840      850      860      870      880      890      900
Slit  GNDISVPEGAFNDLSALSHLAIGANPLYDCDNQWLSDWKSEYKEPGIARCAGGEMADKILLITPSK
325  ---SSLIHLQANSNPWECNCKLILGRDLAS-----
      350      360      370

910      920      930      940      950      960      970
Slit  KFTCQGPVDVNIILAKCNPCLSNPCKNDGTCNSDPVDFYRCTCPYGFKGQDCDVPIHACISNPCKHGGTCH
      ... ..
325  ---SAITLNI-----Y-----CQNP-----PSMRG-----
      380                               390

980      990      1000     1010     1020     1030     1040
Slit  LKEGEEDGFWCICADGFEENCEVNVDDCEDNDCENNSTCVDGINNYTCLCPPPYTGELCEEKLDFAQD
      ... ..
325  ---RALRYI-----NITNCV-----
      400

1050     1060     1070     1080     1090     1100     1110
Slit  LNPCQHDSKILTPKGFKCDCCTPGYVGEHCDIDDDCQDNKCKNGAHCTDAVNGYTCICEGYSGLFCEF
325  ---TSSIN-----
      410

```

Fig. 2J

106110 1199760

```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Slit  SCKLEGGVLCDEEDLFNPCAIAKCKHGKCRISGLGOPYCESSGYTGDSCEISCRGERIRDYYQ
      .:      .:      .:      .:      .:      .:      .:
      .:      .:      .:      .:      .:      .:      .:
325 AC-----VL-----IFLIYKVVFQKQ--KLKA-----SENS-----RENRL-EYY-
      540      550      560      570

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Slit  KQGYAACQTTK-KVSRLECRGGCAGGCCGPIRSKRRKYSFECTDGSSFVDEVEKVVKCGCTRCVS
      .:      .:      .:      .:      .:      .:
      .:      .:      .:      .:      .:      .:
325 ---SF--YQSARNVTASICNTSPNSLESFGLQIRLHK-----QIVPENEQVI-LFEHSAL
      580      590      600      610      620

```

Fig. 2L

106110: 11593260

```

10 20 30 40 50 60 70
Slit CAGACAGGTTGGAGAGGCGGTGGAGCGGTGTGCTGAGTGGGCTCTACTGCCITGTTCCATATTATT
325 -----

80 90 100 110 120 130 140
Slit TTGTGCACATTTTCCCTGGCACCTCTGGGTGCTAGCCCCCGCGGCACTGGGCCCTCAGACACTGCCGGGT
325 -----

150 160 170 180 190 200 210
Slit TCCCTCGGAGCAGCAAGCTAAAGAAAGCCCCCAGTCCCGCGCAGGAAGGAGCGCGGGGAAAGATGCGC
325 -----

220 230 240 250 260 270 280
Slit GCGGTTGGTGGCAGATGCTGCCCTGTCGCTGGGGTTAGTGTGGCGATCCTGAACAAGGTGGCACCGC
    :::
325 -----GTCG-----ACCG--

```

Fig. 2M-1

106110-11593460

```

570      580      590      600      610      620      630
Slit  TGAGTTGCTGTTTCTTGGGACTGGGAAGCTATACAGGGTGTATCTCAGTGAACCAAAATTCAGGCAATC
      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :
325 T-----TTTCTTG---C--CAATTCTGATCTGA-----ACAGA-AAATCCAAGAACAGG-----
      90      100      110      120      130

640      650      660      670      680      690      700
Slit  CCAAGGAAGCTTTCCGTGGGGCAGTTGACATAAAAAATTGCAACTGGATTACAAACCAGATCAGCTGTA
      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :
325 -----GATATGTG-----TGGATTACA-----GTT
      140      150

710      720      730      740      750      760      770
Slit  TTGAAGATGGGGCATTTCAGGGCTCTCCGGGACCTGGAAGTGCTCACTCTCAACAATAACAACATTACTAG
      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :
325 TT-----CTCT-----GCCT-----TGC-----CTACGA-----
      160      170

780      790      800      810      820      830      840
Slit  ACTTTCTGTGGCAAGTTTCAACCATATGCCTAAACTTAGGACTTTTCGACTGCTCAATTCAAACAACCTGTAT
      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :
325 -----CTCTTTCTGGTTGTTACCTGTTA-----TCTTTT-----AT
      180      190      200

```

Fig. 2M-3

106110 159360

```

850      860      870      880      890      900      910
Slit  TGTGACTGCCACCTGGCGTCTCCGACTGGCTTCGCCAAAGCGCTCGGGTTGCTGTGTACACTCAGT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  TATTACT-CCACAAG-----AAATAG-----TTGGA-TGTTCTG-TC--T
      210      220      230

920      930      940      950      960      970      980
Slit  GTATGGCCCTCCACACCTGAGAGGCCATAATGTAGCCGAGGTTCAAAAACGAGAAATTGTCTGTCACTGG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  GTTTG-----TC-----AGC-----TCTGCACTGG
      240      250

990      1000     1010     1020     1030     1040     1050
Slit  TCACCAAGTCATTTATGGCTCCTTCTGTAGTGTGTGCACTGCCCTGCCGCTGTACCTGTAGCAACAAT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  G-----AGACAAATTA-----ACTGCC-----GTAACCTTAGGC-----
      260      270      280

1060     1070     1080     1090     1100     1110     1120
Slit  ATCGTAGACTGTCTGGGAAGGTCTCACTGAGATCCCCACAAATCTCCAGAGACCATCACAGAAATAC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  -----CTTTCGAG-----TATTC---CTAAGA-----ATTTCCTGAAA--GT-ACAGTTTTC
      290      300      310      320

```

Fig. 2M-4

Fig. 2M-5

105170:1559260

```

1410      1420      1430      1440      1450      1460      1470
Slit  COTTCCTCCCTATATGACAAAGCTTCAGACCATCGCCAGGGACCTTTTCACCTCTTCGGGGCCATT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  T-TTCTATTCTAAATAATAA-----TTTCA-----T
      470      480      490

1480      1490      1500      1510      1520      1530      1540
Slit  CAAACTATGCATTGGCCAGAACCCCTTTATTGTGACTGCCCATCTCAAGTGGCTAGCGGATTATATCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  CAAAC---GC-TTAGATCCTGGA---ATATTT-----AAGGGACTTT---TAAATCTTC
      500      510      520      530

1550      1560      1570      1580      1590      1600      1610
Slit  ATACCAACCCGATTGAGACCAGTGGTGCCCGTTGCACCCAGCCCGCCGCTGGCAACAACAAAAGAAATTGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  GTA-----ATTTATATTT-----ATTTATATTT
      540      550

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
Slit  ACAGATCAAAAGCAAGAAATTCCTGTGTTTCAGCTAAAGAACAGTATTTTCATTCCAGGTACAGAAGATTAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ACAGT--ATAATCAGGTA--TCCTTTGTTTC--CGAGAGG--AGTATTTAAT-----
      560      570      580      590

```

Fig. 2M-6

100110 11559460

```

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
Slit CGATCAAAATTAAAGTGGAGACTGCTTTTCGGATCTGCGTTGCCCTGAAAGTGTGCGTGTGAAGGAACCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -GATCTAGTTT-----CAGTTCAG-----610

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
Slit CAGTAGATTGCTCTAATCAAAAGCTCAACAAAATCCCGGAGCACATTTCCCGAGTACACTGCAGAGTTGCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TACTTAAATCTA-----CAAA-----GGAA-----TCGCCT---CACTG-----640
                                     620

1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890
Slit TCCTCAATAATGAATTTACCGTGTGGAAAGCCACAGGAATCTTTAAGAAACTTCCTCAATTACGTAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TCC---TTGGGAG---TGG-----TACCT-----660
                                     650

1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
Slit ATAAACTTTAGCAACAATAAGATCACAGATATTGAGGAGGGAGCATTTGAAGGAGCATCTGGTGTAAATG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TTGTTGGTATGGTTGCT-----CTTCGG-----680
                                     670

```

Fig. 2M-7

Fig. 2M-8

15570:159360

```

2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310
Slit  GAGAAGAAGAAATGTCACGGGAATCCTAGATGTCAAAACACATACTTCCTGAAAGAAATACCATC
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
325  TAGGAAGTAATAATTA--ACAAAAGTACC-----ATCAAATGCCTTT-----GAAGTAC-----
      770      780      790      800
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:

Slit  CAGGATGTGCCATTCAGGACCTTCACCTGTGATCAGCGGAATGATGACAATAGTTGCTCCCACTTCTC
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
325  -----TTAAAGTCTT-----AGAGACTTT-----CTTTGTCTC
      820      830

3290      2400      2410      2420      2430      2440      2450
Slit  GCTGTCTACTGAATGTACTTGCTTGATACAGTCGTCGATGTAGCAACAAGGGTTTGAAGTCTTGCC
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
325  ATAACTCTATTGAA-----GCA--ATACAG-C--CCTTG--CA-----TTTAAAGGACTTGCC
      850      860      870      880

2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520
Slit  GAAAGGTATCCAAAGAGATGTCACAGAGTTGTATCTGGATGGAAACCAATTACACTGGTTCCCAAGGAA
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
325  AA-----TCTGGA--ATACC-----TCC-----
      :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      900

```

Fig. 2M-9

106110 1155560

```

2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590
Slit  CTCTCCAACTACAACATTAAACACTTATAGACTTAAGTAACAACAGAAATAAGCAGCTTTCTTAATCAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ---TCCCTGAAAAATTCAGAA-----TTAGGA---ATGTTACTA---GGGATGGG-----TTTAGT---GG
      910      920      930      940      950

2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660
Slit  GCTTCAGAAACATGACCCAGCTCCTCACCTTAATCTTACTTACAACCGTCTGAGATGTATTCCTCCTCG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  AATTAAATAATCTTAA-----ACATTGATCTTAA-----GTCA-TAATGA-----
      960      970      980      990

2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730
Slit  CACCTTTGATGGATTAAAGTCTCTCGATTACTTTCTCTACATGGAAATGACATTTCTGTTGCGCTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ---TTTAGAGAATTTAAAT---TCTGACACATTCAGT---TTGTTAAAGA-ATT---TAATTTACCTTAA
      1000      1010      1020      1030      1040      1050

2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800
Slit  GGTGCTTTCAATGATCTTTCTGCATTATCACATCTAGCAATTGGAGCCAAACCCCTCTTTACTGTGATTGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  G-----TTAGATAGAA---ACAGAATAAAT-----TAGCATT-----GATAATGAT
      1060      1070      1080

```

Fig. 2M-10

106TT0:1399260

```

2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870
Slit ACATGCACTGGTTATCCGACTGGGTGAAGTATGAAGAGCCTGGAATTGCTCGTTGCTGCTGCTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACAT-----TTGAAAATATGGGAGCAT-----CTTTGAA--GATCC
      1090      1100      1110      1120

2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940
Slit TGGAGAAATGGCAGATAAACTTTTACTCACAACCTCCCAAAAAATTTACCTGTCAAGGTCCTGTGGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TAATCTGTCAAT-----
      1130

2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
Slit GTCAATATTCTAGTAACTGTAACCCCTGCCTATCAAAATCCGTGTAAAAATGATGGCACATGTAATAGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -TTAATAATCTTACA-----GCCTTGC--ATCCAAG-----G
      1140      1150      1160

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Slit ATCCAGTTGACTTTTACCGATGCACCTGCCATATGTTTCAAGGGCAGGACTGTGATGTCCCAATTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 GTCC-----TTAAGCCGT-----TGTC-----TTTCATTG-----ATTCA
      1170      1180      1190

```

Fig. 2M-11

10610 153560

```

3090      3100      3110      3120      3130      3140      3150
Slit  TGCCTGATCAGTAACCATGTAACATGGAGGAACCTTGCACCTTAAGGAAGGACAAAGATGGATTCT
:      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::
325  T-----CTTCAGG---CAAATT-----CTAATC-CTT-----GGGAATGTAACCTGCAAAAC
1200                                     1210      1220      1230

3160      3170      3180      3190      3200      3210      3220
Slit  TGGTGTATTGTGCTGATGGATTGAAGGAGAGAAAATTGTGAAGTCAACGTTGATGATTGTGAAGATAATG
:      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::      :
325  T-----TTTGGG-----CTTCGA-----CTTCGA-----CTTCGA-----G
1240

3230      3240      3250      3260      3270      3280      3290
Slit  ACTGTGAAAATAATTCTACATGTCTCGATGGCAATTAATAACTACACATGCCTTTGCCACCTGAGTATAC
:      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::      :
325  ACTG-----GC-----TAGCAT-----CTTCA--GCCATTAC-----
1250                                     1260      1270

3300      3310      3320      3330      3340      3350      3360
Slit  AGGTGAGTTGTGAGGAGAAAGCTGGACTTCTGTGCCCCAGGACCTGAACCCCTGCCAGCAGCATTCAAG
:      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::      :
325  -----TCTAAACATCTATT-----GTCAGAATCCCC-----
1280                                     1290

```

Fig. 2M-12

806110: 1359260

```

3370      3380      3390      3400      3410      3420      3430
Slit  TGCATCCTAACTCCAAAGGGATTCAAATGTGACTGCACACCAGGTACGTAGGTGAACACTGCGACATCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  --CATCCATGC-----GTGGCAGAGCA-----TTACGTT-----
      1300      1310      1320

3440      3450      3460      3470      3480      3490      3500
Slit  ATTTTGACGACTGCCAAGACACAACAAGTGTAAAAACGGAGCCCACTGCACAGATGCAGTGAACGGCTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATATTAAC-----ATTACAAATTGTGTTA-----CATCTTCA-----ATAA
      1330      1340      1350      1360

3510      3520      3530      3540      3550      3560      3570
Slit  GTGCATATGCCCGAAGGTACAGTGGCTGTTCTGTGAGTTTCTCCACCCATGGTCTCCCTCGTACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATGTAT-----CCAGAG---CTTGGGCT-GTT-----GTAAAAATCTCCTC--ATATTCAACACAAGA--C
      1370      1380      1390      1400      1410

3580      3590      3600      3610      3620      3630      3640
Slit  AGCCCCCTGTGATTAATTTTCATTGTCAGAATGGAGCTCAGTGTATCGTCAGAATAAATGAGCCAATATGTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  TAC---TGGGCTAAT---GATGGCTG-----GCATAAAGTAAC--CA-----CAA-ATGGC
      1420      1430      1440      1450

```

Fig. 2M-13

10610 119960

```

3650 3660 3670 3680 3690 3700 3710
Slit AGTGTTCGCTATCAGGAGAAAGTGTGAAAAATTGGTTACTGTGAATTTTATAACAAAGACTC
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 AGT-----CCT--CT-----GGAAATACTAGAC-----TGAGAACATTACTTTCTGGGAA--
1460 1470 1480 1490 1500

3720 3730 3740 3750 3760 3770 3780
Slit TTATCTTCAGATTCCCTTCAGCCAAAGGTTTCGGCCTCAGACGAACATAACACTTCAGATTGCCACAGATGAA
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 -----CGAATTCCTAC-----TTCACCTGCTGGTAGA-TTTTTCAGAGAAATGCCTTTGGTAA-
1510 1520 1530 1540 1550

3790 3800 3810 3820 3830 3840 3850
Slit GACAGCGGAATCCCTCTGTATAAGGTTGACAAAGACCATATCGCGGTAGAACTCTATCGGGGCGGTGTC
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 -----TCCATTAT-----GAGACTA-----CA-----GCAGTGTAC-CTGT-----GCAAAATAC
1560 1570 1580 1590

3860 3870 3880 3890 3900 3910 3920
Slit GTGCCAGCTATGACACCGGCTCTCATCCAGCTTCTGCCATTACAGTGTGGAGACAAATCAATGATGGAAA
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 AA-CTTACTA-----CTTCTGTACCTTGAACCT--TGAAAAAAACAGTGCT-----
1600 1610 1620 1630

```

Fig. 2M-14

106110:1599260

```

3930      3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990
Slit  CTTCCACATTGTGAACACTACTTGCTTGGATCAGAGTCTCTCTTTGTCGGATGGTGGGAACCCAAA
      : : : :      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  CTACCG---AATGATGCTGCTT-----CAATGTC-----AGGGAA-----
      1640      1650      1660

4000      4010      4020      4030      4040      4050      4060
Slit  ATCATCACTAACTTGTCAAAGCAGTCCACTCTGAATTTTCACTCTCCACTCTATGTAGGAGCATGCCAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  AACATCTCTAATTGT-----ACACAAGAAAGTTGA-----
      1670      1680      1690

4070      4080      4090      4100      4110      4120      4130
Slit  GGAAGAGTAACGTGGCATCTCTGGGCCAGGCCCCCTGGGCAACGGAACCAAGCTTCCACGGGTGCATCCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  -GAAGTTGAATGAGGCTT-----TTGACATTTG---CTAGCTT-----
      1700      1710      1720      1730

4140      4150      4160      4170      4180      4190      4200
Slit  GAACCTTTACATCAACAGTGAGCTGCAGGACTTCCAGAAGGTGCCGATGCAAAACAGGCATTTGCCTGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ----TTTTCATC-----TTAGCTT-----GTG-----TTTAAATCATTTT-----
      1740      1750      1760

```

Fig. 2M-15

T06T10 T1559460

```

4210      4220      4230      4240      4250      4260      4270
Slit  TGTGAGCCATGCCACAAGAGGTGTGTCCTGACATGCCAGCCAGCCAGGCTTCACCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  TTTGATC--TAC-----AAAGTTGTT-----CAGTTA----A
      1770              1780              1790

4280      4290      4300      4310      4320      4330      4340
Slit  GCGAGTGCAGGAAGGATGGATGGGGCCCTCTGTGACCAACGGACCAATGACCCCTGCCCTTGGAATAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ACRAAAACTA--AAGG-----CATCAGAAACT-----CAAGGGAAAAAT
      1800              1810              1820

4350      4360      4370      4380      4390      4400      4410
Slit  ATGGGTACATGGCACCTGCTTGCCCATCAATGCGTTCTCTACAGCTGTAGTGTGGAGGCCCATGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  AGACTTGAATA-CTACAGCTT-----TTATCAGTCAGCAAGGTATA-----ATGTA
      1830      1840              1850      1860              1870

4420      4430      4440      4450      4460      4470      4480
Slit  GGTGTCCTCTGTGATGAAGAGGAGGATCTGTTTAACCCATGCCAGGCGATCAAGTGCACGACGGGAAGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ACTG-CCATCAAT-TTG-----TAAACACTTCCC-----CAAAATTCT--CT-AGAAAGT
      1880      1890              1900              1910

```

Fig. 2M-16

Fig. 2M-17

100110 = 159960

GCAGCTCTGGGGAGCTCGAGTCCGATCACGGCTTCTTGGGGTAGCTACGGTGGGTGTGTAGAACGGGGCCCGG 79
 GCTGGGCTGGTCCCTAGTGGAGACCAAGTGGAGAGGCAAGAACTCTGCAGCTTCCTGCCTTCTGGGTCAATTCC 158
 TTATTCAAGTCTGCAGCGCGCTCCAGGGAGATCTCGGTGGAATTCAGAAACGCTGGGCAGTCTGCCTTTCAACC 234

M P L S L G A E M W G P E A W L L L L L L L 20
 ATG CCC CTG TCC CTG GGA GCC GAG ATG TGG GGG CCT GAG GCC TGG CTG CTG CTG CTG CTA 294

L L A S F T G R C P A G E L E T S D V V 40
 CTG CTG GCA TCA TTT ACA GGC CGG TGC CCC GCG GGT GAG CTG GAG ACC TCA GAC GTG GTA 354

T V V L G Q D A K L P C F Y R G D S G E 60
 ACT GTG GTG CTG GGC CAG GAC GCA AAA CTG CCC TGC TTC TAC CGA GGG GAC TCC GGC GAG 414

Q V G Q V A W A R V D A G E G A Q E L A 80
 CAA GTG GGG CAA GTG GCA TGG GCT CGG GTG GAC GCG GGC GAA GGC GCC CAG GAA CTA GCG 474

L L H S K Y G L H V S P A Y E G R V E Q 100
 CTA CTG CAC TCC AAA TAC GGG CTT CAT GTG AGC CCG GCT TAC GAG GGC CGC GTG GAG CAG 534

P P P P R N P L D G S V L L R N A V Q A 120
 CCG CCG CCC CCA CGC AAC CCC CTG GAC GGC TCA GTG CTC CTG CGC AAC GCA GTG CAG GCG 594

Fig. 3A

406140 139360

D E G E Y E C R V S T F P A G S F Q A R 140
GAT GAG GGC GAG TAC GAG TGC CGG GTC ACC TTC CCC GCC GGC AGC TTC CAG GCG CGG 654

L R L R V L V P P L P S L N P G P A L E 160
CTG CGG CTC CGA GTG CTG CTG CCT CCC CTG TCA CTG AAT CCT GGT CCA GCA CTA GAA 714

E G Q G L T L A A S C T A E G S P A P S 180
GAG GGC CAG GGC CTG ACC CTG GCA GCC TCC TGC ACA GCT GAG GGC AGC CCA GCC CCC AGC 774

V T W D T E V K G T T S S R S F K H S R 200
GTG ACC TGG GAC ACG GAG GTC AAA GGC ACA ACG TCC AGC CGT TCC TTT AAG CAC TCC CGC 834

S A A V T S E F H L V P S R S M N G Q P 220
TCT GCT GCC GTC ACC TCA GAG TTC CAC TTG GTG CCT AGC CGC AGC ATG AAT GGG CAG CCA 894

L T C V V S H P G L L Q D Q R I T H I L 240
CTG ACT TGT GTG GTG TCC CAT CCT GGC CTG CTC CAG GAC CAA AGG ATC ACC CAC ATC CTC 954

H V S F L A E A S V R G L E D Q N L W H 260
CAC GTG TCC TTC CTT GCT GAG GCC TCT GTG AGG GGC CTT GAA GAC CAA AAT CTG TGG CAC 1014

I G R E G A M L K C L S E G Q P P S Y 280
ATT GGC AGA GAA GGA GCT ATG CTC AAG TGC CTG AGT GAA GGG CAG CCC CCT CCC TCA TAC 1074

Fig. 3B

106110: 1599760

N W T R L D G P L P S G V R V D G D T L 300
 AAC TGG ACA CGG CTG GAT GGG CCT CTG CCC AGT GGG GTA CGA GTG GAT GGG GAC ACT TTG 1134

 G F P P L T T E H S G I Y V C H V S N E 320
 GGC TTT CCC CCA CTG ACC ACT GAG CAC AGC GGC ATC TAC GTC TGC CAT GTC AGC AAT GAG 1194

 F S S R D S Q V T V D V L D P Q E D S G 340
 TTC TCC TCA AGG GAT TCT CAG GTC ACT GAT GTT CTT GAC CCC CAG GAA GAC TCT GGG 1254

 K Q V D L V S A S V V V G V I A A L L 360
 AAG CAG GTG GAC CTA GTG TCA GCC TCG GTG GTG GTG GGT GTG ATC GCC GCA CTC TTG 1314

 F C L L V V V V V L M S R Y H R R K A Q 380
 TTC TGC CTT CTG GTG GTG GTG GTG CTC ATG TCC CGA TAC CAT CAT CGG CGC AAG GCC CAG 1374

 Q M T Q K Y E E E L T L T R E N S I R R 400
 CAG ATG ACC CAG AAA TAT GAG GAG GAG CTG ACC CTG ACC AGG GAG AAC TCC ATC CGG AGG 1434

 L H S H H T D P R S Q P E E S V G L R A 420
 CTG CAT TCC CAT CAC ACG GAC CCC AGG AGC CAG CCG GAG GAG AGT GTA GGG CTG AGA GCC 1494

 E G H P D S L K D N S S C S V M S E E P 440
 GAG GGC CAC CCT GAT AGT CTC AAG GAC AAC AGT AGC TGC TCT GTG ATG AGT GAA GAG CCC 1554

Fig. 3C

E	G	R	S	Y	S	T	L	T	T	V	R	E	I	E	T	Q	T	E	L	466
GAG	GGC	CGC	AGT	TAC	TCC	ACG	CTG	ACC	ACG	GTG	AGG	GAG	ATA	GAA	ACA	CAG	ACT	GAA	CTG	1614
L	S	P	G	S	G	R	A	E	E	E	E	D	Q	D	E	G	I	K	Q	480
CTG	TCT	CCA	GGC	TCT	GGG	CGG	GCC	GAG	GAG	GAG	GAA	GAT	CAG	GAT	GAA	GGC	ATC	AAA	CAG	1674
A	M	N	H	F	V	Q	E	N	G	T	L	R	A	K	P	T	G	N	G	500
GCC	ATG	AAC	CAT	TTT	GTT	CAG	GAG	AAT	GGG	ACC	CTA	CGG	GCC	AAG	CCC	ACG	GGC	AAT	GGC	1734
I	Y	I	N	G	R	G	H	L	V	*										511
ATC	TAC	ATC	AAT	GGG	CGG	GGA	CAC	CTG	GTC	TGA										1767
CCAGCGCCTGCCCTCCCTCCCTAGGCTGGCTCCCTTCGTGTGACATGGGAGATTTTAGCTCATCTTGGGGGCCCTCCCTTA	1846																			
AACACCCCACTTTCTGGGAGATGTTCCCCATCCCATGACTGCTTGACCTTACCTCCAAACCCCTCTGTGTTTCATCGG	1925																			
GAGGGCTCCACCAATTGAGTCTCTCCACCATGTCATGAGGTCACATGTGTGTGATGTGCTGCTGTGAGTTGA	2004																			
CTGACTGTGTGTGTGGAGGGGTGACTGTCCGTGGAGGGTGACTGTGTCCGTGTGTATTAATGCTGTCAATACAG	2083																			
AGTCAAGTGAACCTGTGTGTGTATGTGCCACGGGATTTGAGTGGTTGCGTGGGCAACACTGTCCAGGGTTTGGCGTGTGTGT	2162																			
CATGTGGCTGTGTGTGACCTCTGCCTGAAAAGCAGGATATTTTCTCAGACCCACAGACGATTAATAATGATGCAGAGGTT	2241																			
GGAGGAGAGAGGTGGAGACTGTGGCTCAGACCCAGGTGTGCGGACATAGCTGGAGCTGGAACTCTGCCCTCCGGTGTGAGG	2320																			
GAACTGTCTCTACCACTTCGGAGCCATGGGGCAAGTGTGAAGCAGCCAGTCCCTGGGTGAGCCAGAGGCTTGAACCT	2399																			
GTTACAGAAGCCCTGTGCCCTGTGGTGGCCCTGTGGCCCTGTGCATGTAATATTTCTGTAATAATACATACGCGCGGG	2478																			
AGCTTTTCGACGAATACTGCTCCGAAATCACTTTTAAATTTTTCCTTTTCTTGGCCCTTCCATTAGTTGTATTT	2557																			
TTTTTAATTTTATTTTTTATTTTTTATTTTTTATGAGATGGAGTCTCACTATGTTGTCTCAGGCTTGGCCCTTGAACCTCTGGGC	2636																			

Fig. 3D

106110:1599/60

TCAAGCAATCCTCCTGCCTCAGCCTCCCTAGTAGCTGGGACTTTAAAGTGTACACCACTGTGCTGCTTTGAAATCCTTTA 2715
 CGAAGAGAAAAAAATTAAGAAAAAGCCTTTAGATTATCCAATGTTTACTACTGGATTGCTTAAAGTGAGCCCTT 2794
 CCAACACAGGGGGTTAAATCCTGTGATTGTGAAAGGGCTACTTCCAAGGCATCTTCATGCGAGGCAGCCCTTGGGAG 2873
 GGCACTGAGAGCTGGTAGACTGAAATTAGGATGTGAGCCTCGTGTGTTACTGAGTAAGTAAAAATTGCATCCACCA 2952
 TTGTTTGTGATACCTTAGGGAATTGCTTGGACCTGTGTGCAAGGGCTCCTGTTCAATAGTGTGTTGGGGAGAGAGAGA 3031
 GCAGTGATTATAGACCGAGAGAGTAGGAGTTGAGTGAAGAGAGTCTGGGGTGAGAAATGTCGCTTTTCCCCC 3110
 TGGGTTTGTGATCACTAAATCAAGGCTCTTCTGGGTTGGGGTGGAGTTCAGATGAGTTCAATGAGTTTATTTTA 3189
 GCTGGCCCACCAGATACACTCAGCCAGAAATACCTAGATTTAGTACCCAACTCTTCTAGTCTGAAATCTGCTGGATT 3268
 TCTGGCCTAAGGAGAGGCTCCCATCCTTCGTTCCCGCAGCCAGCTAGGACTCGAATGTGGAGCCTGAAGATCTAAGA 3347
 TCCTAACATGTACATTTTATGTAATAATGTGCAATTTGTACATAAAATGATATTCTGTTTTTAAATAAACAGACAAA 3426
 CTTGAAAAAATAA 3505
 AAAAA 3510

Fig. 3E

T06140 1159360

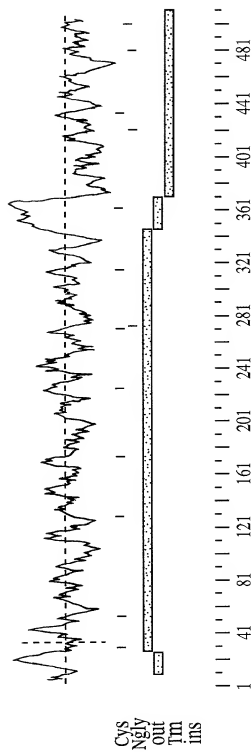


FIG. 3F

K G T T S S R S F K H S R S A A V T S 19
 C AAA GGC ACA ACG TCC AGC CGT TCC AAC CAC TCC CGC TCT GCT GCC GTC ACC TCA 58
 E F H L V P S R S M N G Q P L T C V V S 39
 GAG TTC CAC TTG GTG CCT AGC AGC ATG AAT GGG CAG CCA CTG ACT TGT GTG GTG TCC 118
 H P G L L Q D Q R I T H I L H V S F L A 59
 CAT CCT GGC CTG CTC CAG GAC CAA AGG ATC ACC CAC ATC CTC CAC GTG TCC TTC CTT GCT 178
 E A S V R G L E D Q N L W H I G R E G A 79
 GAG GCC TCT GTG AGG GGC CTT GAA GAC CAA AAT CTG TGG CAC ATT GGC AGA GAA GGA GCT 238
 M L K C L S E G Q P P P S Y N W T R L D 99
 ATG CTC AAG TGC CTG AGT GAA GGG CAG CCC CCT CCC TCA TAC AAC TGG ACA CGG CTG GAT 298
 G P L P S G V R V D G D T L G F P P L T 119
 GGG CCT CTG CCC AGT GGG GTA CGA GTG GAT GGG GAC ACT TTG GGC TTT CCC CCA CTG ACC 358
 T E H S G I Y V C H V S N E F S S R D S 139
 ACT GAG CAC AGC GGC ATC TAC GTC TGC CAT GTC AGC AAT GAG TTC TCC TCA AGG GAT TCT 418
 Q V T V D V L A D P Q E D S G K Q V D L 159
 CAG GTC ACT GTG GAT GTT CTT GCA GAC CCC CAG GAA GAC TCT GGG AAG CAG GTG GAC CTA 478

Fig. 3G

V S A S V V V G V I A A L L F C L L V 179
 GTG TCA GCC TCG GTG GTG GGT GTG ATC GCC GCA CTC TTG TTC TGC CTT CTG GTG 538

V V V L M S R Y H R R K A Q Q M T Q K 199
 GTG GTG GTG CTC ATG TCC CGA TAC CAT CGG CGC AAG GCC CAG CAG ATG ACC CAG AAA 598

Y E E E L T L T R E N S I R R L H S H H 219
 TAT GAG GAG GAG CTG ACC CTG ACC AGG GAG AAC TCC ATC CGG AGG CTG CAT TCC CAT CAC 658

T D P R S Q S E E P E G R S Y S T L T T 239
 ACG GAC CCC AGG AGC CAG AGT GAA GAG CCC GAG GGC CGC AGT TAC TCC ACG CTG ACC ACG 718

V R E I E T Q T E L L S P G S G R A E E 259
 GTG AGG GAG ATA GAA ACA CAG ACT GAA CTG CTG TCT CCA GGC TCT GGC CGG GAG GAG 778

E E D Q D E G I K Q A M N H F V Q E N G 279
 GAG GAA GAT CAG GAT GAA GGC ATC AAA CAG GCC ATG AAC CAT TTT GTT CAG GAG AAT GGG 838

T L R A K P T G N G I Y I N G R G H L V 299
 ACC CTA CGG GCC AAG CCC ACG GGC AAT GGC ATC TAC ATC AAT GGC CGG GGA CAC CTG GTC 898

*
 TGA 300
 901

Fig. 3H

10610: 1355260

980
 1059
 1138
 1217
 1296
 1375
 1454
 1533
 1612
 1691
 1770
 1849
 1928
 2007
 2086
 2165
 2244
 2323
 2402
 2481
 2510
 CCAGGCGCTCCCTCCCTAGGCCCTGGCTCCTTCTGTTGACATGGGAGATTTTAGTCTCATCTTGGGGCGCTCCTTA
 AACACCCCATGTTCTTGGGAAGATGTCCTCCCATCCCACTGACTGCTTACCCTTACCTCCAACCTTCTGTTATCGG
 GAGGCTCCACCAATTAGTCTCTCCACCATGCATGCAGGTCACCTGTGTGTGCATGTGTGCTGTGAGTGTGA
 CTGACTGTGTGTGGAGGCTGACTGTCCCTGGAGGGTCACTGTGTCCGTGGTGTATTAATGTCTCATATCAG
 AGTCAAGTGAATGTGGTGTATGTGCCACGGATTTGAGTGTGTGCGTGGCAACACTGTCAGGCTTGGCGTGTGTGT
 CATGTGCTGTGTGACCTCTGGCTGAAAAAGCAGGTATTTTCTCACACCCAGAGCACTAATTAATGATGCAGAGGTT
 GGAGGAGAGAGTGGAGACTGTGGCTCAGACCCAGGTGTGGGCGATAGCTGGAGCTGGAATCTGCCCTCCGCTGTGAGG
 GAACCTGTCTCCTAACACTTCGAGCAATGGGGCGAAGTGTGAAGCAGCCAGTCCCTGGTCAGCCAGAGGCTTGAAC
 GTTACAGAAGCCCTCTGCCCTCTGTGGCTCTGGGCTGCTGCATGTACATAATTTCTGTAATATACATGCGCGGG
 AGCTTCTTGAGGAATACTGTCCGAATCACTTTAATTTTCTTTTCTTCTGCCCCCTTCCATAGTGTGTAAT
 TTTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT
 TCAAGCAATCCCTCGCTCAGCTCCCTAGTAGCTGGGACTTAAAGTACACCACTGTGCCCTTGAATCCTTTA
 CGAAGAAAAAATAAAGAAAGCCCTTAGATTTATCCAATGTTTACTACTGGGATGCTTAAAGTAGGCCCCCT
 CCAACACAGGGGTTAATTCCTGTGATTTGTGAAAGGGCTACTTCCAAGGCATCTTCATGAGCGAGCCCTTGGGAG
 GGCACCTGAGAGCTGTAGAGCTTGAATTAGGATCTGAGCTGGTGCACAAAGGCTCCTGTTCAATAGTGGTGTGGG
 GAGAGAGAGCAGTGAATTAAGACCGAGAGATAGGAGTTGAGGTGAGGTGAAGGAGTGTGGGGTGAGAAATGTCG
 CCTTCCCGCTGGTTTGGATCACTAAATCAAGGCTCTCTGGATGTTTCTGTGGTGGGGTGGAGTCAATGAGG
 TTATTTTATTTAGCTGGCCACCCAGATACACTCAGCCAGAAATACCTAGATTTACTACCAACTCTTCTAGTCTGAAAT
 CTGCTGGAATTTGGCCTAAGGAGAGCTCCCATCCTTCGTTCCCGACCGCCCTAGGACTTCGAATGTGGAGCCTGA
 AGATCTAAGATCCTAACATTTTATGTAAATATGTGCATATTTGTACATAAAATGATATTTCTGTTTAAATAA
 ACAGAAAAACTTGAAAAAATAAAAAA

Fig. 3I

Fig. 3J

Fig. 3K

Fig. 4A

106110: 1599260

Y F L G L S D P Q G N N N W Q W I D K T	155
TAT TTT CTG GGG CTT TCA GAC CCA CAA GGT AAT AAT TGG CAA TGG ATT GAT AAG ACA	618
P Y E K N V R F W H L G E P N H S A E Q	175
CCT TAT GAG AAA AAT GTC AGA TTT TGG CAC CTA GGT GAG CCC AAT CAT TCT GCA GAG CAA	678
C A S I V F W K P T G W G W N D V I C E	195
TGT GCT TCA ATA GTC TTC TGG AAA CCT ACA GGA TGG GGC TGG AAT GAT GTT ATC TGT GAA	738
T R R N S I C E M N K I Y L *	210
ACT AGA AGG AAT TCA ATA TGT GAG ATG AAT AAG ATT TAC CTA TGA	783
GTAGAGCTTAAATTGGAAGAAGAGAAGTAATCTAGACGTAATTTTCCCTGACGTCCTTTAAAAATTGAACCCCTATCAT	862
GAAATGATAAATTCTTCTCGAATTACACATAATCCTTATGTTATAGAGGTTACAGAAATGGAAGATACCTGTTCC	941
CTTTAATCAATCTTCTCGTTTCCCTTTTCCATTAAATGATAGAAATGCACCCCTCCTCTCTTTGTTCCATTCTTCACTT	1020
GTTATTCATTTTTTTCTTCTCACACTTCATTACACAAATATTATTGTTTCAGAGACTGTACTATTGTTGTTGTAG	1099
AAGATTTATAAGCAGTATCTTTGAAAATATGACTTTCCTCTCAATATACCAATAAGAAATCTTTTGGTCAAGA	1178
TGGTAGTTGGAACATAATCATCTGAAGCCTGACAAGATTGAAGACATGTTTTCTAGATGGCTCACTCACATGGCT	1257
GGCAACTTGGTGTGCTATTATGTAACCTGGAATAAATTTTATCTGCAGTTAGGGAATTTGGCAATTTTATATATGT	1336
TGATTCAAATCAAGTTTGGCAAGCAGGGTGTTCGATACTGCTATATCTGTAATCTTGGTTATTTGTTTATTATCTGAG	1415
AAATATGTTAAGATCTCTCGTGATTGGGAATTTGCTATTTCTCATTTAAAATTTTGTCAAACTTTCTTTGCTTGC	1494
AAGCAATTTCTTGTAACCAAACTAACTATTTCTTGAAAATATGATGGTTAGCAAAAGTTTGAGATACTAGAGCTGTA	1573
ATCCATCATTTTAAAATGCAATGATAATGACAGTTTATTTTATGTTATATAAAAAACCTCAACAAATTTTCCAAACAAT	1652
TACCAAAATGGTCATTAAATCTGTATCCACAAGGATTTCTGCAATFACATACTTTAAACCAAAATACCTAATTTATTAGT	1731

Fig. 4B

106410-1159960

GCATATTTAAACTTATTGTTGGGCGATGACTATATGCAACAGTTGCATGATATATGATACAAAATTATGTTATTCTTTTCCA 1810
 TTGCACCTGAAAATA CCAATAATATAAGAGAAATCCCATCATCCAAATGAGCCTATATTTGATTGATACCTCAGAGAATC 1889
 TGGCAGTAGGAGCCTATAAAGGGATAGCAATTTGGGAAAGGATTTGGGAAAGTTGGTAGTACTGAAACATCTTCTCACCTGG 1968
 ACTCATGAGCAACTTGAATAGTTCTAACTGTGATGCAATAGTAGATTCTTAACACATTTTTTCCCCCTTGAATAGAAATTT 2047
 GGCACAAACAATTTTTTAAATTAATTTAGCAAAATATTGGATATTAAAGCCTTCTTATAGAAAAGAGATA CCTGTATATTTA 2126
 AGCCATGATGAGGTATATA CAATGTTATAATTAATTACTTGATACATGGCAAAATTAATTTTTTTTATCATTTGGAGTCACT 2205
 TTCTTTAAATTTTAGTAATGCCCTTTGGCTTTAAATTTTTTCTCCTGATATTAAATAGATACAGTAACTTTTCATTTAGTTAG 2284
 TGCTGTAAAAATTTTTTTTCCATCTTCTATTTTTTGACCAATTTTTTATTCACATGTCTCTTAATAAGTAGCATATAGTT 2363
 AAATTTTAAAAAATCCAAATATGGCAATCA CCTTTTAGGTGGTTTCCATTTCTCTGTCCCAAAATATTTTTTTTACAGCTTATAAC 2521
 TATATGGTTCTAAATCTATCATCTTACTAGGTGGTTTCCATTTCTCTGTCCCAAAATATTTTTTTTACAGCTTATAAC 2600
 ACAAAATGTGTAA CAAGAAACTAATGACCTTCTTAAAACTAAAACTCAATTTATCTCAAAATGCTCTATTTTACAAACAGG 2679
 AAAA CTCCATGGTTTACGGCATGTCTATATTGAAAATAAAGCTGCAATAGCTTTTTTATACAAATATCGCTCTCAAGAAA 2758
 ATGAATCATTAAGACAGTAA TTAGGAGTTTCAAAAATTTAAAAACATTTTACGTTAAATTTTAAATTA TTGCTTTCAATAAT 2837
 TTAAATTTATTGAAGTCTGAGTTTTCAAAAGTGAATTTTTCACAAAGGTGCCAACACTTAAGCTAGAGCTTTTCAGTGT 2916
 AACTTTGCCCTTAAAAAGTTAAGACATATTTCTGAGAAATCATATAGTACATGATTTCTGATGCTATCTGCTCTGTTAATA 2995
 ACAAGAATTTACACATGAATACCTATGTAAACAAATCTCCATGTTCTACATATACCCAGAACTTTAAAGTATAAATAA 3074
 TAATAAAACATAGCAAAAGCCTTTTAAAAAATTTTTTTTTT 3114

Fig. 4C

106170-11533/60

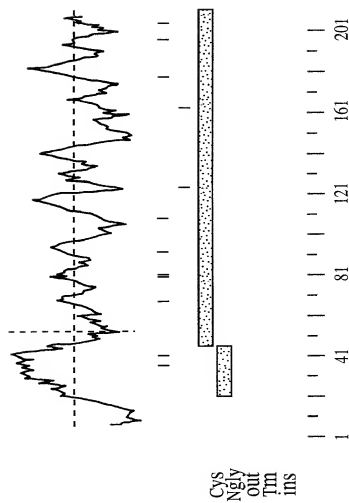


FIG. 4D

GAAC	TCCC	GGTGC	ACCCG	CGTCC	CGATTG	CCCGCT	CTCTGT	GGCATT	TAACT	CAAG	TGTGT	GGAAG	TGAT	TCT	79
GAAC	TCTG	CGCTCT	TTTGAC	AGAC	CCAGG	TCCCTG	AGTCGT	ATTATT	TGGAC	ACATG	CAAGAA	CCCTG	ACCTT	CTGA	158
M V Q E R Q S Q G K G V C W T L															
ACAT	ACAC	CTCA	ACA	ATG	GTG	CAG	GAA	AGA	CAA	TCC	CAA	GGG	AAG	GGA	16
															221
R L	W S	A A	V I	S M	L L	L S	T C	F I	A S						36
AGA	CTC	TGG	TCA	GCT	GCT	ATG	ATT	TCC	ATG	TTA	CTC	TTG	AGT	ACC	281
C V	V T	Y Q	F I	M D	Q P	S R	L Y	E L	H						56
TGT	GTG	GTG	ACT	TAC	CAA	TTT	ATT	ATG	GAC	CAG	CCC	AGT	AGA	CTA	341
T Y	H S	S L	T C	F S	E G	T M	V S	E K	M W						76
ACA	TAC	CAT	TCC	AGT	CTC	ACC	TGC	TTC	AGT	GAA	GGG	ACT	ATG	GTG	401
G C	C P	N H	W K	S F	G S	S C	Y L	I S	T K						96
GGA	TGC	TGC	CCA	AAT	CAC	TGG	AAG	TCA	TTT	GGC	TCC	AGC	TGC	TAC	461
E N	F W	S T	S E	Q N	C V	Q M	G A	H L	V V						116
GAG	AAC	TTC	TGG	AGC	ACC	AGT	GAG	CAG	AAC	TGT	GTT	CAG	ATG	GGG	521
I N	T E	A E	Q N	F I	T Q	Q L	N E	S L	S Y						136
ATC	AAT	ACT	GAA	GCG	GAG	CAG	AAT	TTC	ATC	ACC	CAG	CAG	CTG	AAT	581

Fig. 4E

10011011593260

F	L	G	L	S	D	P	K	V	M	A	N	G	N	G	S	M	I	L	L	156	
TTC	CTG	GGT	CTT	TCG	GAT	CCC	AAG	GTA	ATG	GCA	AAT	GGC	AAT	GGA	TCG	ATG	ATA	CTC	CTT	641	
S	V	K	M	S	G	S	G	T	P	M	N	P	I	F	Q	K	S	G	V	176	
TCA	GTC	AAA	ATG	TCA	GGT	TCT	GGC	ACC	CCC	ATG	AAC	CCA	ATC	TTC	CAG	AAG	AGC	GGT	GTG	701	
F	Q	*																		179	
TTT	CAA	TAG																		710	
TTT	ACT	GGA	ATC	CTT	CGA	AAT	GGG	GCT	GGG	AAT	GAT	CTTTT	TCT	GTG	ATG	TAA	CACA	ATT	CAAT	ATG	789
AGAT	TAC	CTAT	GAA	TGC	CTG	TAT	TCT	TAA	TAT											821	

Fig. 4F

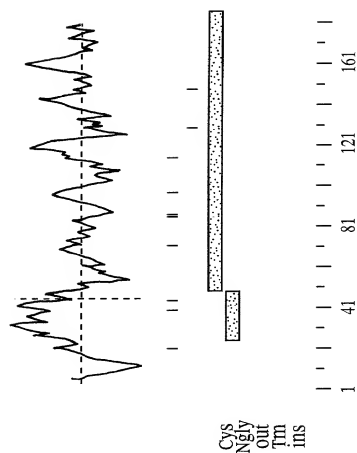


FIG. 46

106110 1153360

```

human  MMQEQQPQSTEKRGWLSRLWSVAGISIALLSACFIVSCVVTYHFTYGETGKRLSELHSYHSSILTCFSEG      10      20      30      40      50      60      70
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  MVQERQSQGKGVC-W-TLRWSAAVISMLLLSTCFIASCVVTYQFIMDQPSRRLYELHTYHSSILTCFSEG      10      20      30      40      50      60

human  TKVPA--WGCCPASWKSFGSSCYFISSEKVMWSKSFQNCVEMGAHLVVFNTAEAEQNFTVQQLNESFSYFL      80      90      100      110      120      130
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  TWVSEKMWGCCPNHWKSGSSCYLLSTKENFWSTSEQNCVQMGALHVVINTAEAEQNFTVQQLNESLSYFL      70      80      90      100      110      120      130

human  GLSDPQGNNNWQWIDKTPYEKNVRFWHLGEFNHSAEQCASIVFWKPTGWGWNNDVICETRRNSICEMNKIY      140      150      160      170      180      190      200
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  GLSDPKVMAN-----GNGSMILLSV---KMMSGG-----TPMNPFIQKSGVF      140      150      160      170

```

Fig. 4H

human L
murine Q

106740:11599260

human	ATGATGCAAGACGACCAACCTCAAAGTACAGAGAAAGAGGCTGGTTGTCCTCGAGACTCTGGTCTGTGG	10	20	30	40	50	60	70
murine	ATGTGTCAGGAAAGACAATCCCA-----AGGGAAGGAGTCTGCTGACCCCTGAGACTCTGGTCAGCTG	10	20	30	40	50	60	70
human	CTGGGATTTCCATTGCACCTCCTCAGTGTCTTCAATTGTGAGCTGTGTAGTAACTTACCAATTTACATA	80	90	100	110	120	130	140
murine	CTGTGATTTCCATGTACTCTTGAGTACCTGTTTCATTGCGAGCTGTGTGGTCACTTACCAATTTATTAT	70	80	90	100	110	120	130
human	TGGTGAACTGGCAAAAGGCTGTCTCAACTACACTCATATCATTCAAAGTCTCACCTGGTTCAGTGAAGGG	150	160	170	180	190	200	210
murine	GGACAGCCCGAGTGAAGACTATATGAACCTCACACATACCATTCACAGTCTCACCTGCTTCAGTGAAGGG	140	150	160	170	180	190	200
human	ACAAAGGTGCCAGCC-----TGGGGATGTGCCAGCTTCTTGGAAAGTCATTGGTTCAGTTGCTACT	220	230	240	250	260	270	
murine	ACTATGGTGCAGAAAAAATGTGGGGATGTGCCCAAAATCACTGGAAAGTCATTGGCTCCAGCTGCTACC	210	220	230	240	250	260	270

Fig. 4I

106TT01T559Z60

```

280          290      300      310      320      330      340
human  TCATTCCAGTGAAGAGGTTGGTCTAAGAGCAGCAACTGTGTGAGATGGAGCAGCATTTGGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine TCATTCTACCAAGGAGAACTTCTGGAGCACCAAGTGAAGCAGCAACTGTGTTCAGATGGGGCTCATCTGGT
280          290      300      310      320      330      340

350          360      370      380      390      400      410
human  TGTGTTCAACACAGACAGCAGCAAAATTCATTGTCCAGCAGCTGAATGAGTCATTTCTTATTTCTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine GGTGATCAATACTGAAGCGGAGCAGAAATTCATCACCCAGCAGCTGAATGAGTCACCTTCTTACTTCCCTG
350          360      370      380      390      400      410

420          430      440      450      460      470      480
human  GGGCTTTCAGACCCACAAAGTAATAATGGCAATGGATTGATAAGACACCTTATGAGAAAAATGTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine GGTCTTTCGGATCC-CAAGGTAATGGCAATGGCAATGGATCGATGATACCTCTTTCAGTCAAAATGTCA
420          430      440      450      460      470      480

490          500      510      520      530      540      550
human  GATTTTGGCACCTAGGTGAGCCCAATCATTTGTCAGAGCAATGTGCTTCAATAGTCTTCTGGAAACCTAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine GGTCTTGGCACCCCATGAACCCCAATCTTCCAGAGAGCGGTGTGTTTCAA-----
490          500      510      520      530

```

Fig. 4J

0976511 **014004**

human AGGATGGGCTGGHAATGATGTTATCTGTGAAACTAGAAGGAATTCATATATGTGAGATGAATAAGATTAC
murine -----

human CTA

murine ---

Fig. 4K

T05T10T159Z60

```

mT405 MVQERQSQKGVCWTLRLWSAAVISMLLLSTCFIASCWVTYQFIMDQPSRRLYELHTYHSSLTCFSEGTM 70
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Dectin MVQERQSQKGVCWTLRLWSAAVISMLLLSTCFIASCWVTYQFIMDQPSRRLYELHTYHSSLTCFSEGTM 70
      10 20 30 40 50 60 70

mT405 VSEKMWGCCPNHWKSGSSCYLISTKENFWSTSEQNCVQMG AHLVVINTEAFQNFITQQLNESLSYFLGL 140
      80 90 100 110 120 130 140
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Dectin VSEKMWGCCPNHWKSGSSCYLISTKENFWSTSEQNCVQMG AHLVVINTEAFQNFITQQLNESLSYFLGL 140
      80 90 100 110 120 130 140

mT405 SDPKVMAN---GNCSMILLSVKMSSGTPMNP-----IF-----QKSGVFQ 170
      :::: .. ... . :. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Dectin SDPQNGKGQWIDTFFSQNVRFWHPHEPNLPEERCVSIVYWNPSKWGWNDVFCDSKHNSICEMKKIYL 200
      150 160 170 180 190 200

```

Fig. 4L

TABLE T59260

10	20	30	40	50	60	70
ht405	MMQEQPQST	TEKRGWLSRLWSVAGISIALLSACFIVSCVVTYHFTYGETGKRLSELHSYHSSLTCFSEG				
	:
Dectin	MVQERQSQCKGVC-W-TLRLWSAAVISMLLSTCFIASCVVTYQFIMDQPSRRLYELHTYHSSLTCFSEG					
10	20	30	40	50	60	70
80	90	100	110	120	130	140
ht405	TKVPA--WGCCPASWKSFGSSCYFTISSEKVKWSKSEQNCVEMGAHLVVFNTAEAEQNFIVQQLNESFSYFL					

Dectin	TWSEKMWGCCPNHWSFGSSCYLLISTKENFWSTSEQNCVQMG AHLVVFNTAEAEQNFITQQLNESLSYFL					
80	90	100	110	120	130	140
150	160	170	180	190	200	
ht405	GLSDPQGNWQWIDKTPYEKNVRFWHLGEPNHSAEQCAIVFWKTGWGWNVDICETRRNSICEMNKIYL					

Dectin	GLSDPQGNKQWQWIDTTPSQNVRFWHPHPENLPERCVSIVYWNPSKWGWNDFCDSKHNSICEMKKIYL					
150	160	170	180	190	200	

Fig. 4M

706110 11593260

CGACCCCGG	TCCGCTGACT	TCTGGGTTTG	CAGCATTGGC	CGCTCTCTG	GCATTAACT	60
CAAGTGTTG	TGGAAGTTGA	TTCTGAACTC	TGGCTCTTTT	GACAGAAAGC	AGTCCCTGA	120
GTCGTATTT	GGACACAGAT	GCAAGAAACC	CCTGACCTTC	TGAACATACA	CCTCAACA	178
ATG GTG CAG GAA AGA CAA TCC CAA GGG AAG GGA GTC TGC TGG ACC CTG						226
Met Val Gln Glu Arg Gln Ser Gln Gly Lys Gly Val Cys Trp Thr Leu						
1	5	10	15			
AGA CTC TGG TCA GCT GCT GTG ATT TCC ATG TTA CTC TTG AGT ACC TGT						274
Arg Leu Trp Ser Ala Ala Val Ile Ser Met Leu Leu Leu Ser Thr Cys						
20	25	30				
TTC ATT GCG AGC TGT GTG GTG ACT TAC CAA TTT ATT ATG GAC CAG CCC						322
Phe Ile Ala Ser Cys Val Val Thr Tyr Gln Phe Ile Met Asp Gln Pro						
35	40	45				
AGT AGA AGA CTA TAT GAA CTT CAC ACA TAC CAT TCC AGT CTC ACC TGC						370
Ser Arg Arg Leu Tyr Glu Leu His Thr Tyr His Ser Ser Leu Thr Cys						
50	55	60				
TTC AGT GAA GGG ACT ATG GTG TCA GAA AAA ATG TGG GGA TGC TGC CCA						418
Phe Ser Glu Gly Thr Met Val Ser Glu Lys Met Trp Gly Cys Pro						
65	70	75	80			

Fig. 4N

AAT CAC TGG AAG TCA TTT GGC TCC AGC TGC TAC CTC ATT TCT ACC AAG	466
Asn His Trp Lys Ser Phe Gly Ser Cys Tyr Leu Ile Ser Thr Lys	95
GAG AAC TTC TGG AGC ACC AGT GAG CAG AAC TGT GTT CAG ATG GGG GCT	514
Glu Asn Phe Trp Ser Thr Ser Glu Gln Asn Cys Val Gln Met Gly Ala	110
CAT CTG GTG ATC AAT ACT GAA GCG GAG CAG AAT TTC ATC ACC CAG	562
His Leu Val Val Ile Asn Thr Glu Ala Glu Gln Asn Phe Ile Thr Gln	125
CAG CTG AAT GAG TCA CTT TCT TCT TTC CTG GGT CTT TCG GAT CCA CAA	610
Gln Leu Asn Glu Ser Leu Ser Tyr Phe Leu Gly Leu Ser Asp Pro Gln	140
GGT AAT GGC AAA TGG CAA TGG ATC GAT GAT ACT CCT TTC AGT CAA AAT	658
Gly Asn Gly Lys Trp Gln Trp Ile Asp Asp Thr Pro Phe Ser Gln Asn	160
GTC AGG TTC TGG CAC CCC CAT GAA CCC AAT CTT CCA GAG CGG TGT	706
Val Arg Phe Trp His Pro His Glu Pro Asn Leu Pro Glu Glu Arg Cys	175

Fig. 40

Y06110.1.1993.60

GTT TCA ATA GTT TAC TGG AAT CCT TCG AAA TGG GGC TGG AAT GAT GTT	754
Val Ser Ile Val Tyr Trp Asn Pro Ser Lys Trp Gly Trp Asn Asp Val	
180 185	190
TTC TGT GAT AGT AAA CAC AAT TCA ATA TGT GAA ATG AAG AAG ATT TAC	802
Phe Cys Asp Ser Lys His Asn Ser Ile Cys Glu Met Lys Lys Ile Tyr	
195 200	205
CTA TGA GTGCCTGTGTTA TTCATTAAATA TCTTTAAAGT TCAGACCTAC CAAGAAGCCA	858
Leu *	
TAACTTCTTG GCCTGTACAT CTGACAGAGG CCGTTCTTTT CCTAGCCACT ATTCTTTACT	918
CAACACAGAAT GAGCCCTTTC TCCTTCTGAT GGTAGAGTT TTGTCAACTT GACACAAACT	978
AGAGTCACCT GGGGAGTAGG ATCTTCAGCT AAGGAATTGC CTCTGTCAGC TTGACCAGTC	1038
AGCATGCTCG GGGGCATTTT CTTGATTAAAT GATTGTTGTA AGAGGGTCCA GGTGGTAAGC	1098
AAAGGTGTTA AACCCATGAA GAGCAAGCCA GGGAGCATCA TCCATCCATC TCTGCCCTCA	1158
GGTTTCTGCC CCAGGTCCTT GCCCTGGTTT CTTTCTATGA ACTGCTGTGA CTTGAAAGTA	1218
TAAGATGAAT AAACAATTTC ATCCAAAAAA AAAA	1252

Fig. 4P

106170: 1155260

GTCGACCCACGGTCGGGAACCAATCCACAAATCACCCCTCTGAGGAACTCTTAGCACTGCATAAAGT	68
GTTCTGAGTTTGTAAATCAGATATGTACACACTGGTTCCTTCAACAGACATGACAAGAGAGCTGGCTTTGG	138
GCTAGGCTGCTCCTTGGCTATGATTTGGGAAGTTAAACCCCTACAGGCTTATGTATGTGGAACCTGTT	208
GGAACTGATTAATTTGGAATGGGATGGACTTCACCTTAACACTCTTGGATTCCCAATATATGTTTGAGTAAAAG	278
M Q S H L	
AACTGCTATCCACAAACACCAATTAATCCTTTAGGAGGCAGAAAAGGCCAGA ATG CAA AGC CAT CTT	345
F I T L G S V F L L L W A F I W G G	23
TTC ATT ACA CTA GGG TCT GTC TTT TTA CTT CTC TGG GCC TTT ATC TGG GGA GGG	399
H V S P T W N S E P G Q D S N L W A	41
CAT GTT TCC CCC ACT TGG AAC AGT GAG CCT GGC CAG GAC AGT AAC CTG TGG GCT	453
C D D I I S N R E W E R M L A S Q V	59
TGT GAT GAC ATT ATT TCT AAT AGG GAA TGG GAA AGG ATG TTA GCT TCT CAG GTT	507
L K C P G G E E K G R H E K E T M K	77
TTA AAG TGT CCT GGA GAA GAA GAG AAA GGA CAT GAG AAG GAG ACA ATG AAG	561
K M G E G E I V	85
AAG ATG GGT GAG GGG GAG ATA GTG TAAGACCTCGAATGGCATAGGTTAAACTGGGACAG	623
AGATACTGTGGGAACGATAGCTGCAGAGGACAGAGGAGGAAGAGAGAGAGAGAGAGGAGATAAAA	693
ACAGTTTGGAGAACTCTCACAAATACATTCATAGAAGACAAAGAACCAATAAAAATGGGCAACAGATA	763
CCACAGAGATGATATATTTAGTGGCCCAATAATACATAAAAATATGCTCAACATCTATTAATTACGAGG	833
AAATGCAAAATTTAAAGCACTGTGAGATACCACTACACATGAGAAATGGCTAAATCAAAAAGACCA	903
ACCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGTGGGGCGATCATGAGGTTCAGGAGTTTCGAGACTAGCTGACCCACATG	973

Fig. 5A

TGGTGTGTTGGGCGCGC

GTGAACCCCTGTCTACTAAACATACAAAAATTAGCTGGGGGTGGTGGCATGGCCCTGTAAATCCAGCT 1043
ACTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCCAGGAGGAGAGATTACAGTGAGCCGAGATCATGC 1113
CCTTGCACTCTAGCCTGGGTGACAGGCGAGACTCTGTCTTAAAAAATAAAAAAATAAAAAA 1183
AAAAAAAGGGGGCGCGC 1202

Fig. 5B

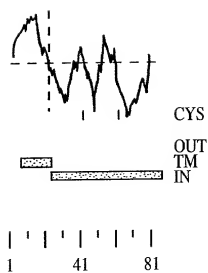


FIG. 5C